

## LAMPIRAN

Lampiran 1. Dokumentasi persiapan persemaian padi M2 MSP13, MSP13 non mutan, Ciherang dan IR-64



Persiapan persemaian



Biji padi yang akan ditanam



Persemaian



Bibit padi berumur 7 HSS

Lampiran 2. Dokumentasi pengolahan tanah dan proses penanaman



Proses pengolahan tanah



Perataan tanah



Penanaman



Penyulaman

### Lampiran 3. Dokumentasi karakter padi



Pengamatan tinggi tanaman



Padi umur 14 HST



Padi berumur 52 HST



Padi berumur 90 HST

### Lampiran 4. Dokumentasi pasca panen



Pemanenan



Pengamatan malai

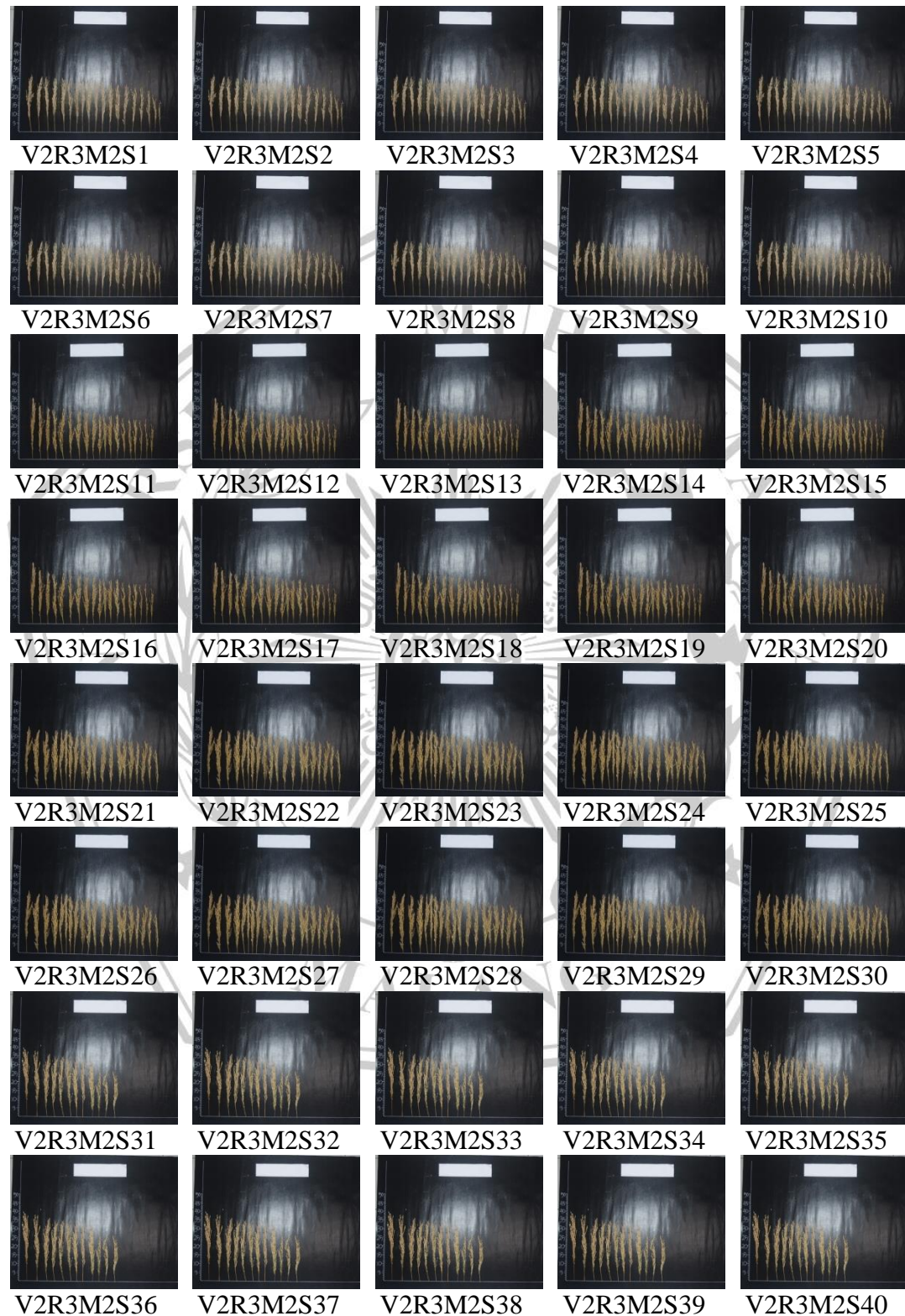


Penjemuran padi

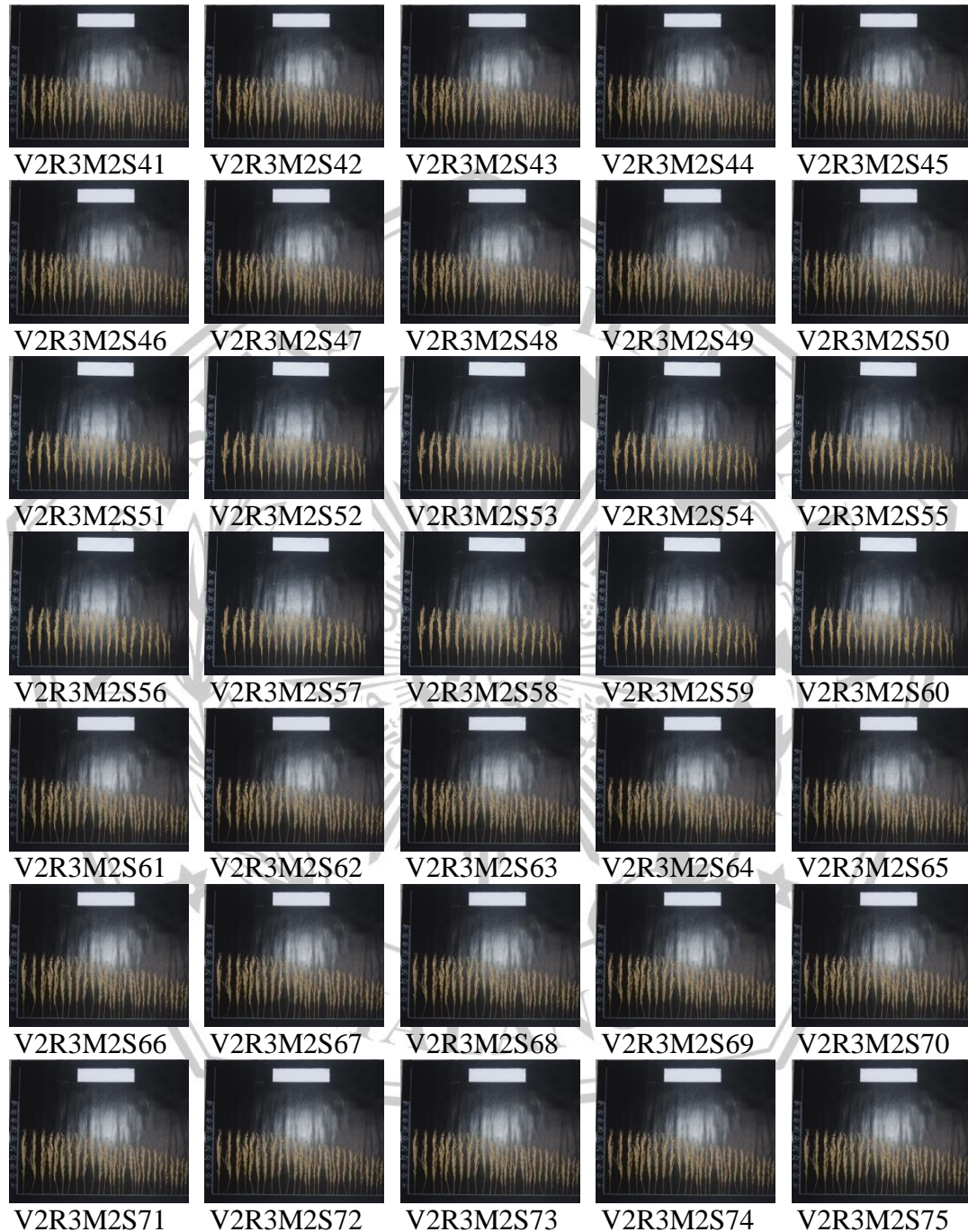


Penimbangan padi

Lampiran 5. Keragaan malai Padi Mutan Generasi M2 Asal Galur MSP13 yang Diradiasi Sinar Gamma 300 Gy, MSP13 non-Mutan, Varietas Ciherang Dan IR64



Lanjutan Lampiran 5. Keragaan malai Padi Mutan Generasi M2 Asal Galur MSP13 yang Diradiasi Sinar Gamma 300 Gy, MSP13 non-Mutan, Varietas Ciherang Dan IR64





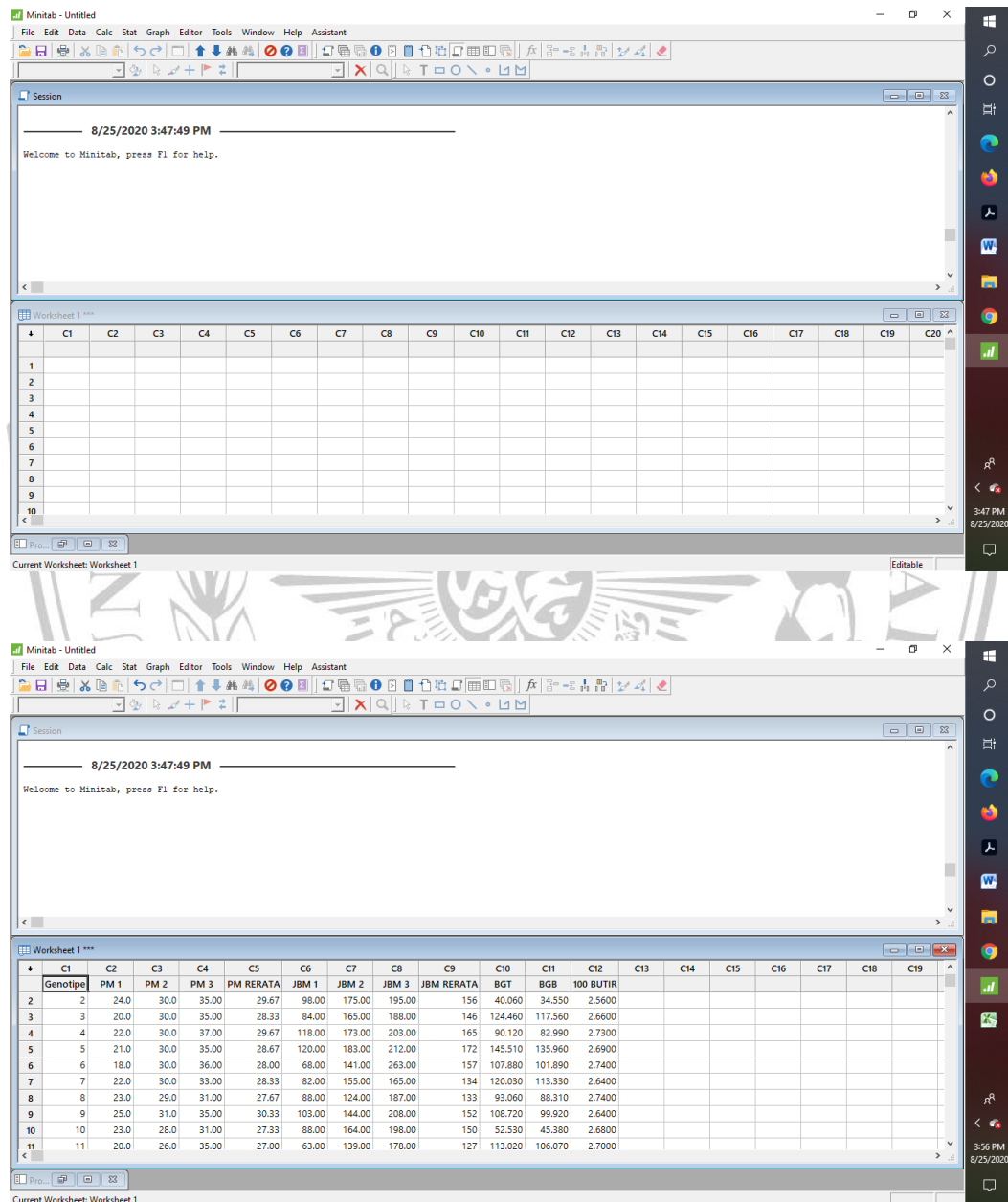
Lanjutan Lampiran 5. Keragaan Malai Padi Mutan Generasi M2 Asal Galur MSP13 yang Diradiasi Sinar Gamma 300 Gy, MSP13 Non-Mutan, Varietas Ciherang dan IR64



## Lampiran 6. Cara analisis menggunakan Minitab 17 dan SPSS

### Cara Analisis Cluster Menggunakan Minitab 17

1. Menata data hasil pengamatan pada microsoft excel.
2. Membuka (mengaktifkan) program minitab.
3. Memasukkan data dengan mengcopy data dari excel ke halaman minitab.

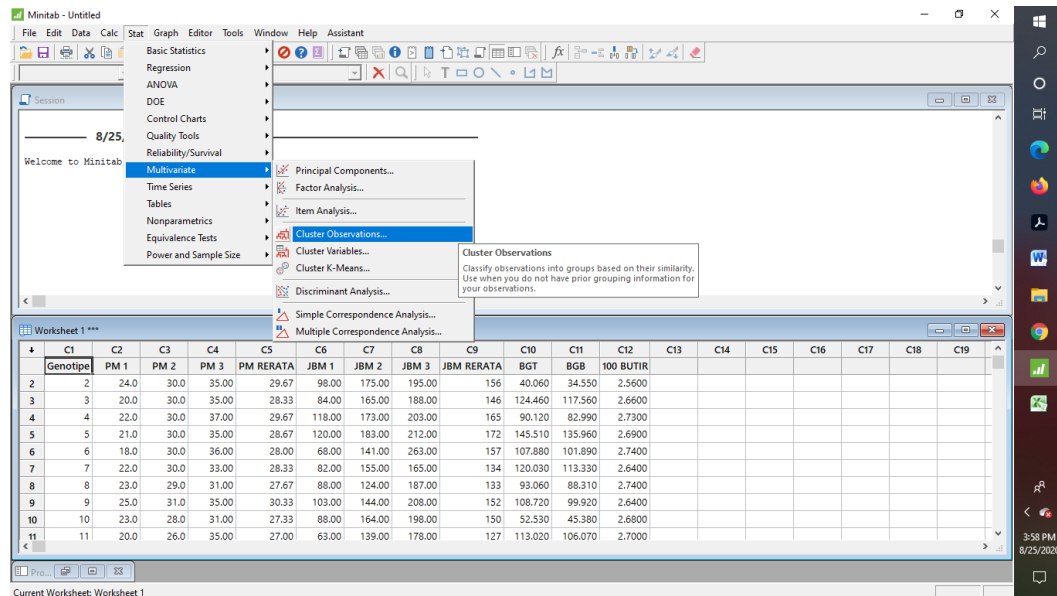


The top screenshot shows the Minitab 17 interface with a blank worksheet. The session window displays the date and time: 8/25/2020 3:47:49 PM. The worksheet has columns labeled C1 through C20 and rows numbered 1 through 10.

The bottom screenshot shows the same Minitab 17 interface, but the worksheet now contains data. The data is organized into columns labeled C1 through C19. The first column (C1) is labeled 'Genotype' and contains values 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11. The subsequent columns (C2-C19) contain numerical data. The session window still displays the date and time: 8/25/2020 3:47:49 PM.

Genotype	PM 1	PM 2	PM 3	PM RERATA	JBM 1	JBM 2	JBM 3	JBM RERATA	BGT	BGB	100 BUTIR
2	24.0	30.0	35.0	29.67	98.00	175.00	195.00	156	40.060	34.550	2.5600
3	20.0	30.0	35.0	28.33	84.00	165.00	188.00	146	124.460	117.560	2.6600
4	22.0	30.0	37.0	29.67	118.00	173.00	203.00	165	90.120	82.990	2.7300
5	21.0	30.0	35.0	28.67	120.00	183.00	212.00	172	145.510	135.960	2.6900
6	18.0	30.0	36.0	28.00	68.00	141.00	263.00	157	107.880	101.890	2.7400
7	22.0	30.0	33.0	28.33	82.00	155.00	165.00	134	120.030	113.330	2.6400
8	23.0	29.0	31.0	27.67	88.00	124.00	187.00	133	93.060	88.310	2.7400
9	25.0	31.0	35.0	30.33	103.00	144.00	208.00	152	108.720	99.920	2.6400
10	23.0	28.0	31.0	27.33	88.00	164.00	198.00	150	52.530	45.380	2.6800
11	20.0	26.0	35.0	27.00	63.00	139.00	178.00	127	113.020	106.070	2.7000

4. Mulai memproses data dengan cara klik **Stat** pada menu bar kemudian klik **Multivariate** kemudian klik **Cluster Observations**.



5. Kemudian akan muncul kotak dialog **Cluster Observations**.
6. Pada bagian **Variables or distance matrix**, masukkan nama genotipe yang digunakan dengan cara memblok tulisan pada kotak paling kiri yang berisikan nama genotipe yang digunakan, lalu klik **Select**.
7. Pilih **Complete** pada kotak pilihan **Linkage Method**.
8. Pilih **Euclidean** pada kotak pilihan **Distance Measure**, untuk memunculkan nilai koefisien korelasi pada dendrogram.
9. Centang **Standardize variabel**.
10. Klik **Similarity level** dan tulis berapa tingkat kemiripan yang digunakan.
11. Untuk memunculkan dendrogram, centang **Show dendrogram** dan klik **OK**.

Minitab - Untitled

File Edit Data Calc Stat Graph Editor Tools Window Help Assistant

Session

8/25/2020 3:47:49 PM

Welcome to Minitab, press F1 for help.

Cluster Observations

Variables or distance matrix:  
Genotype: 100 BUTIR

Linkage method: Complete

Distance measure: Euclidean

☐ Standardize variables

Specify final partition by  
Number of clusters: 1

☐ Similarity level:

☐ Show dendrogram

Select

Storage...

OK

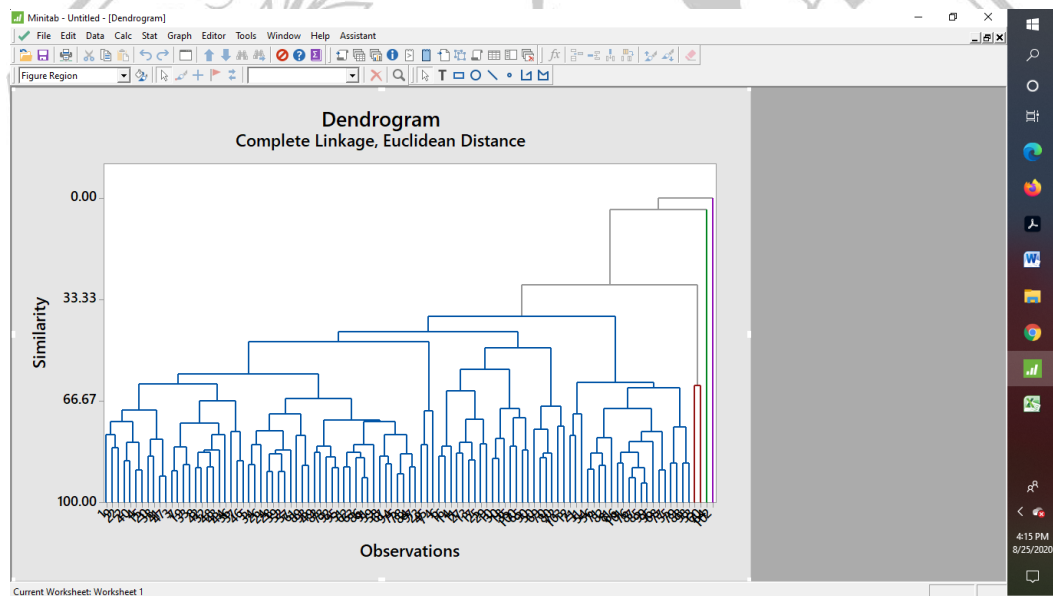
Cancel

Worksheet 1 \*\*\*

	C1	C2	C3	C4	C5	C6	C7	C8	C9	C10	C11	C12	C13	C14	C15	C16	C17	C18	C19
	Genotype	PM 1	PM 2	PM 3	PM RERATA	JBM 1													
2	2	24.0	30.0	35.00	29.67	98.00													
3	3	20.0	30.0	35.00	28.33	84.00													
4	4	22.0	30.0	37.00	29.67	118.00													
5	5	21.0	30.0	35.00	28.67	120.00													
6	6	18.0	30.0	36.00	28.00	68.00	141.00	263.00	157	107.880	101.890	2.7400							
7	7	22.0	30.0	33.00	28.33	82.00	155.00	165.00	134	120.030	113.330	2.6400							
8	8	23.0	29.0	31.00	27.67	88.00	124.00	187.00	133	93.060	88.310	2.7400							
9	9	25.0	31.0	35.00	30.33	103.00	144.00	208.00	152	108.720	99.920	2.6400							
10	10	23.0	28.0	31.00	27.33	88.00	164.00	198.00	150	52.530	45.380	2.6800							
11	11	20.0	26.0	35.00	27.00	63.00	139.00	178.00	127	113.020	106.070	2.7000							

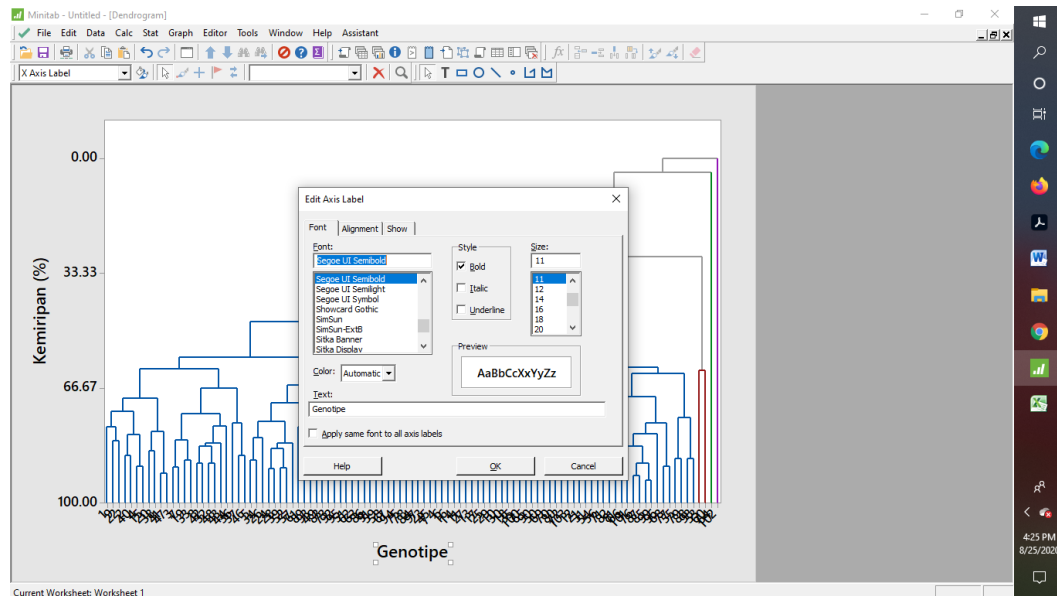
Welcome to Minitab, press F1 for help.

12. Kemudian dendrogram akan muncul seperti gambar dibawah ini.

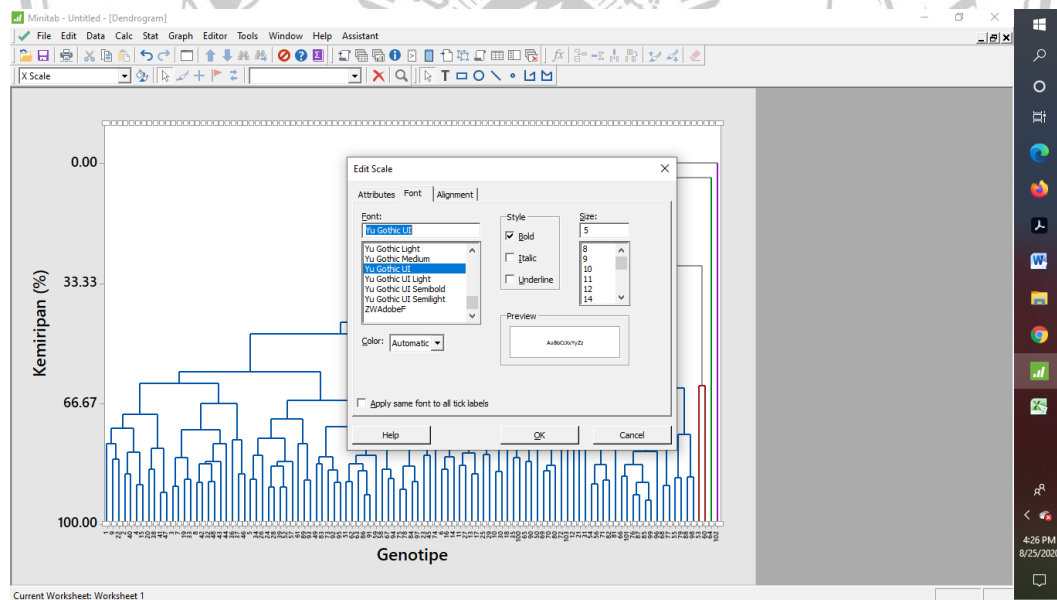




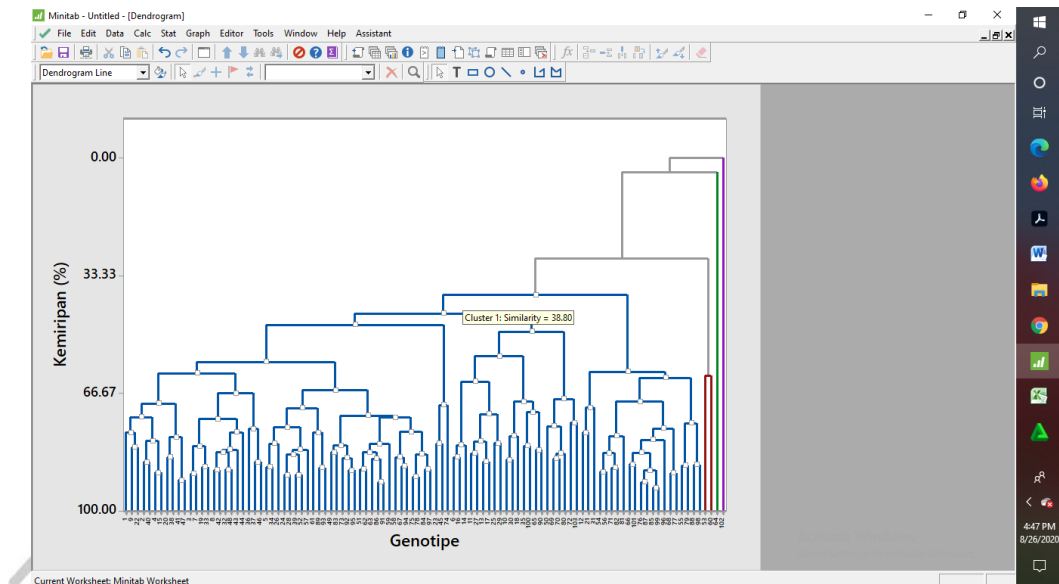
13. Untuk mengatur judul, klik 2 kali pada teks yang akan diganti dan atur sesuai dengan kebutuhan kemudian klik OK.



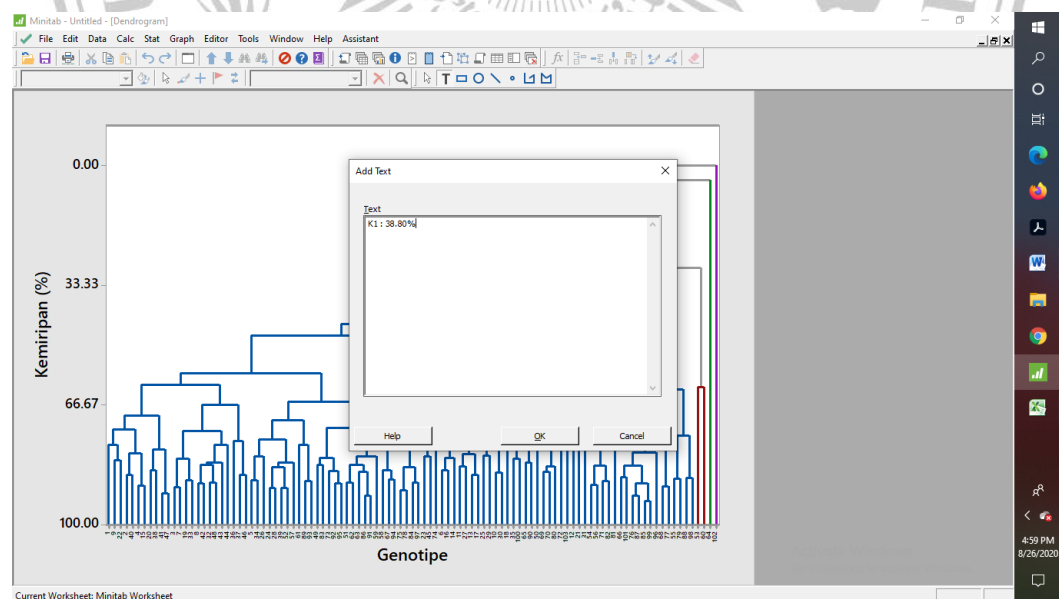
14. Agar nomer genotipe dapat terbaca dengan jelas, maka klik 2 kali pada angka genotipe kemudian atur **Font**, **Style** dan **Size**, selanjutnya klik OK.



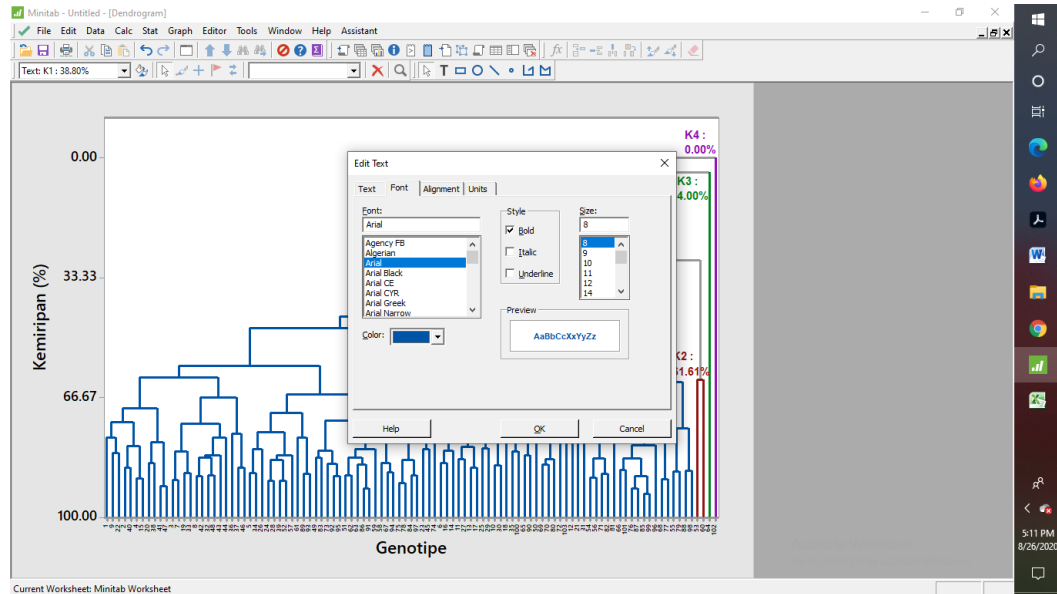
15. Untuk mengetahui nilai kemiripan antar kelompok, klik di bagian dendrogram maka akan muncul informasi kelompok berapa dan nilai kemiripannya.



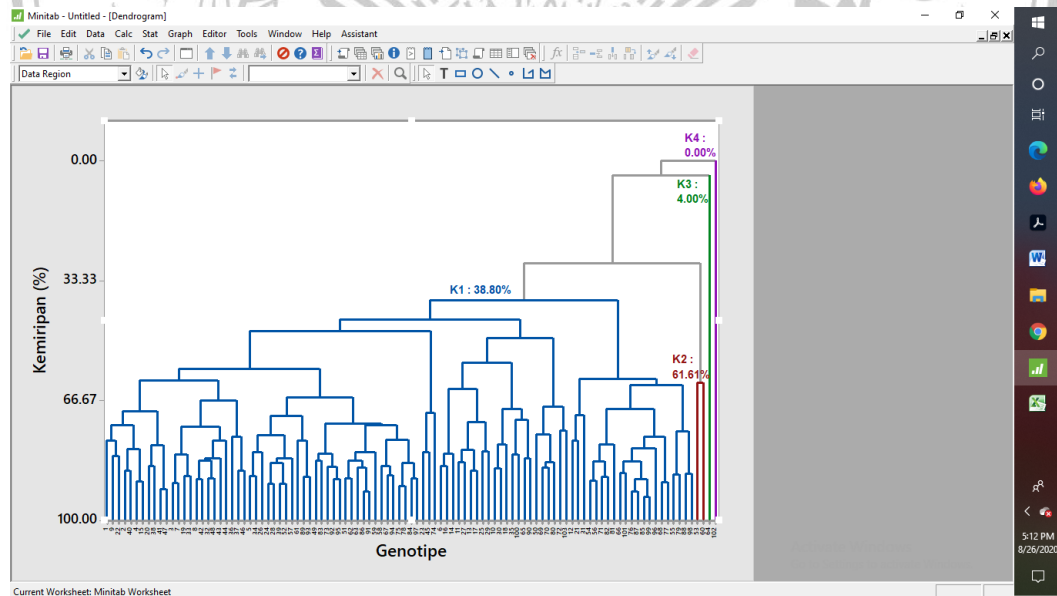
16. Penulisan angka kemiripan antar kelompok dengan cara klik **Text** (disimbolkan huruf T) pada Tool bar. Kemudian membuat Text box pada setiap kelompok dan akan muncul kotak **Add Text** selanjutnya tulis keterangan yang diinginkan, klik OK.



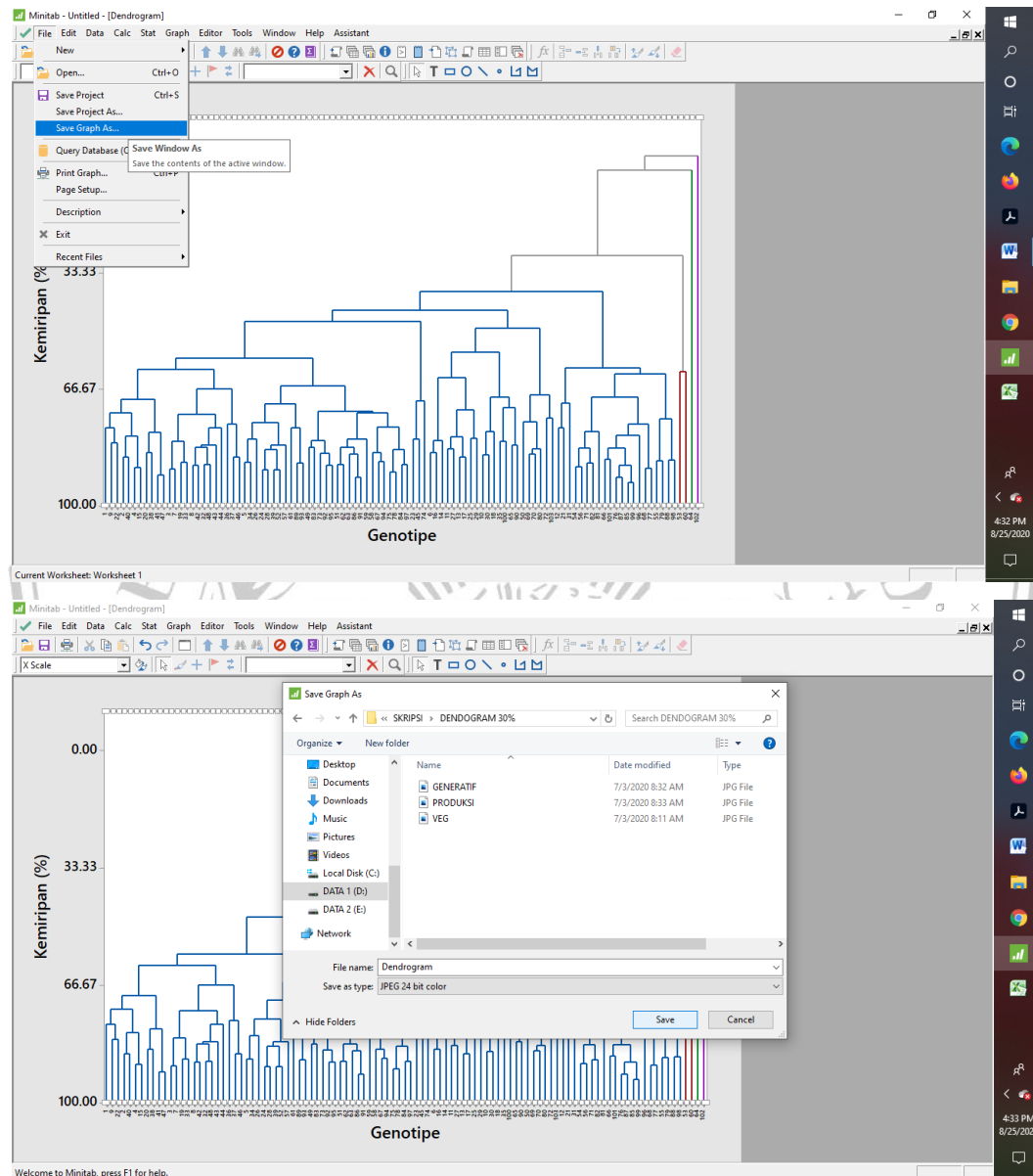
17. Untuk mengatur teks, klik 2 kali pada teks yang akan dirubah kemudian muncul kotak Edit Text dan atur teks sesuai yang diinginkan, klik OK.



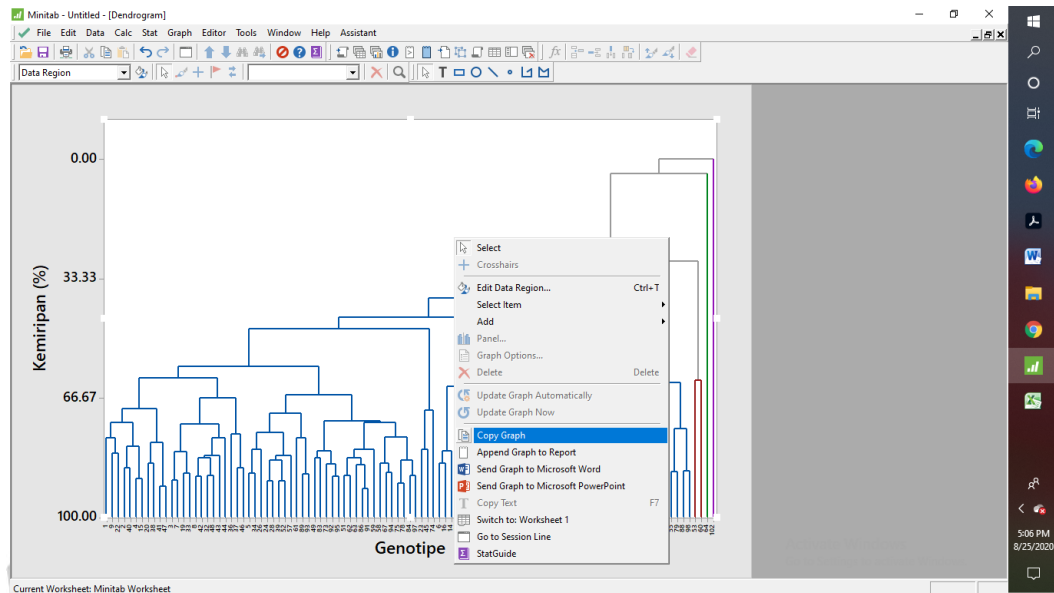
18. Tampilan dendrogram seperti dibawah ini.



19. Untuk menyimpan gambar dendogram, klik **File** kemudian pilih **Save Graph As...**, selanjutnya pilih lokasi penyimpanan dan pilih jenis file pada **Save as type**, kemudian klik **Save**.



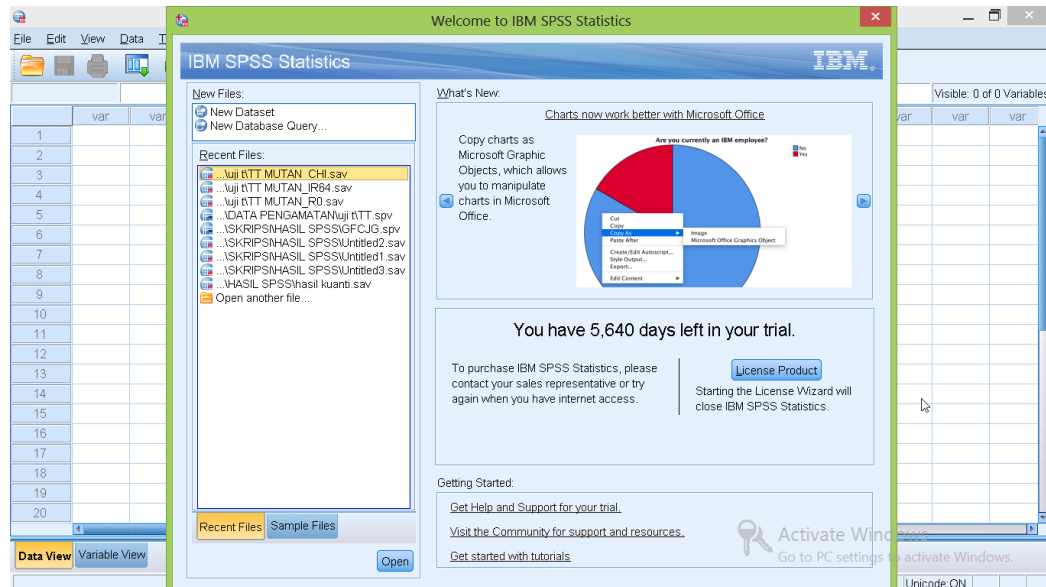
20. Gambar dendrogram bisa langsung di copy ke word dengan klik kanan pada gambar dendrogram kemudian pilih **Copy Graph** atau klik **Ctrl+C** dan klik **Paste** pada word.





## Cara Analisis Korelasi Menggunakan SPSS

### 1. Membuka aplikasi SPSS, berikut adalah tampilan gambar

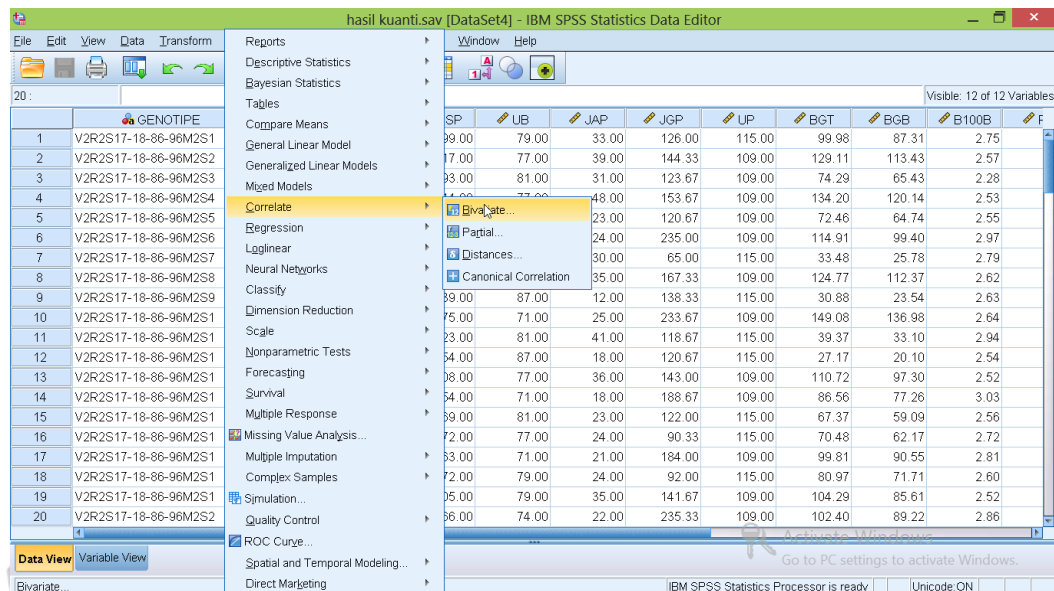


2. Memasukan data dengan cara **copy-paste** data di excle (cara manual) atau dengan cara klik **File**, pilih **Open** dan klik data (memasukan data secara otomatis dengan menyiapkan data terlebih dahulu di format excle). Berikut adalah tampilan data ketika sudah terinput.

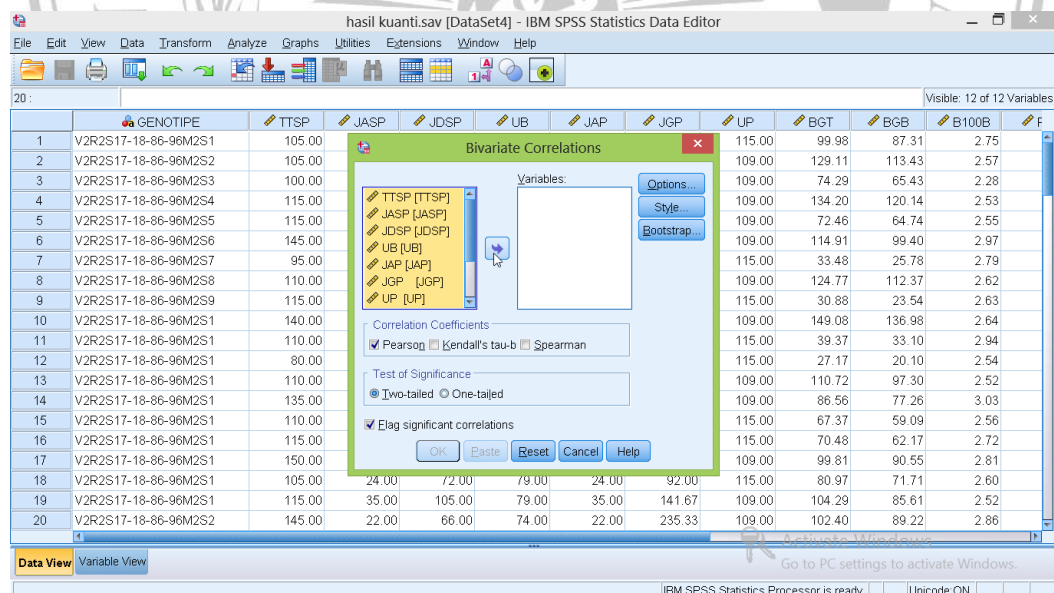
hasil kuantitatif.sav [DataSet4] - IBM SPSS Statistics Data Editor

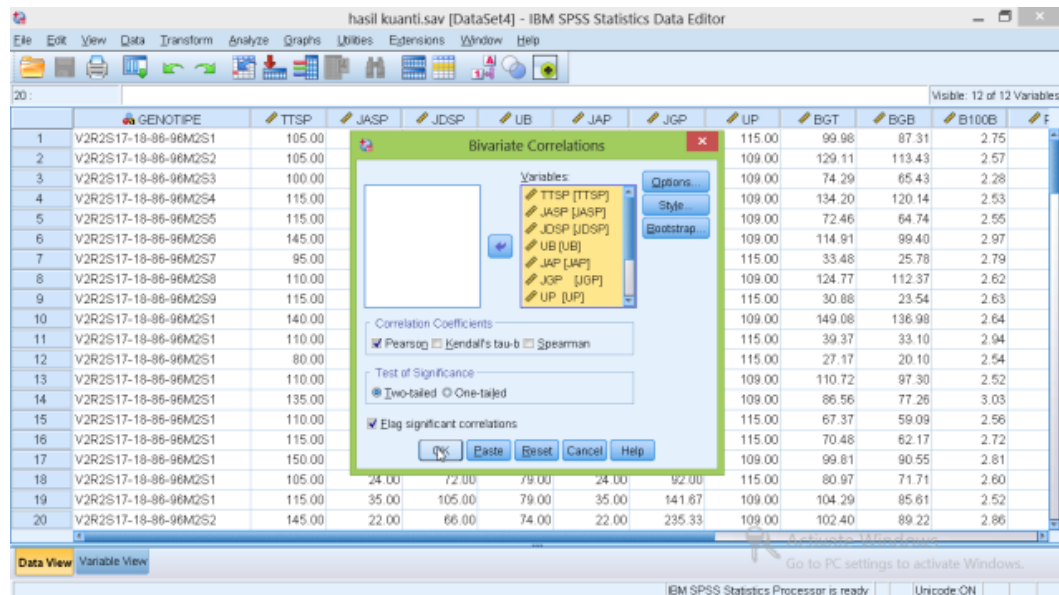
	GENOTYPE	TTSP	JASP	JDSP	UB	JAP	JGP	UP	BGT	BGB	B100B	F
1	V2R2S17-18-86-96M2S1	105.00	33.00	99.00	79.00	33.00	126.00	115.00	99.98	87.31	2.75	
2	V2R2S17-18-86-96M2S2	105.00	39.00	117.00	77.00	39.00	144.33	109.00	129.11	113.43	2.57	
3	V2R2S17-18-86-96M2S3	100.00	31.00	93.00	81.00	31.00	123.67	109.00	74.29	65.43	2.28	
4	V2R2S17-18-86-96M2S4	115.00	48.00	144.00	77.00	48.00	153.67	109.00	134.20	120.14	2.53	
5	V2R2S17-18-86-96M2S5	115.00	23.00	69.00	79.00	23.00	120.67	109.00	72.46	64.74	2.55	
6	V2R2S17-18-86-96M2S6	145.00	25.00	75.00	83.00	24.00	235.00	109.00	114.91	99.40	2.97	
7	V2R2S17-18-86-96M2S7	95.00	22.00	66.00	77.00	30.00	65.00	115.00	33.48	25.78	2.79	
8	V2R2S17-18-86-96M2S8	110.00	32.00	96.00	77.00	35.00	167.33	109.00	124.77	112.37	2.62	
9	V2R2S17-18-86-96M2S9	115.00	13.00	39.00	87.00	12.00	138.33	115.00	30.88	23.54	2.63	
10	V2R2S17-18-86-96M2S1	140.00	25.00	75.00	71.00	25.00	233.67	109.00	149.08	136.98	2.64	
11	V2R2S17-18-86-96M2S1	110.00	41.00	123.00	81.00	41.00	118.67	115.00	39.37	33.10	2.94	
12	V2R2S17-18-86-96M2S1	80.00	18.00	54.00	87.00	18.00	120.67	115.00	27.17	20.10	2.54	
13	V2R2S17-18-86-96M2S1	110.00	36.00	108.00	77.00	36.00	143.00	109.00	110.72	97.30	2.52	
14	V2R2S17-18-86-96M2S1	135.00	18.00	54.00	71.00	18.00	188.67	109.00	86.56	77.26	3.03	
15	V2R2S17-18-86-96M2S1	110.00	23.00	69.00	81.00	23.00	122.00	115.00	67.37	59.09	2.56	
16	V2R2S17-18-86-96M2S1	115.00	24.00	72.00	77.00	24.00	90.33	115.00	70.48	62.17	2.72	
17	V2R2S17-18-86-96M2S1	150.00	21.00	63.00	71.00	21.00	184.00	109.00	99.81	90.55	2.81	
18	V2R2S17-18-86-96M2S1	105.00	24.00	72.00	79.00	24.00	92.00	115.00	80.97	71.71	2.60	
19	V2R2S17-18-86-96M2S1	115.00	35.00	105.00	79.00	35.00	141.67	109.00	104.29	85.61	2.52	
20	V2R2S17-18-86-96M2S2	145.00	22.00	66.00	74.00	22.00	235.33	109.00	102.40	89.22	2.86	

3. Menganalisis data uji korelasi dengan klik **Analyze** kemudian pilih **Correlate**, pilih **Bivariate** maka akan muncul tampilan seperti pada gambar

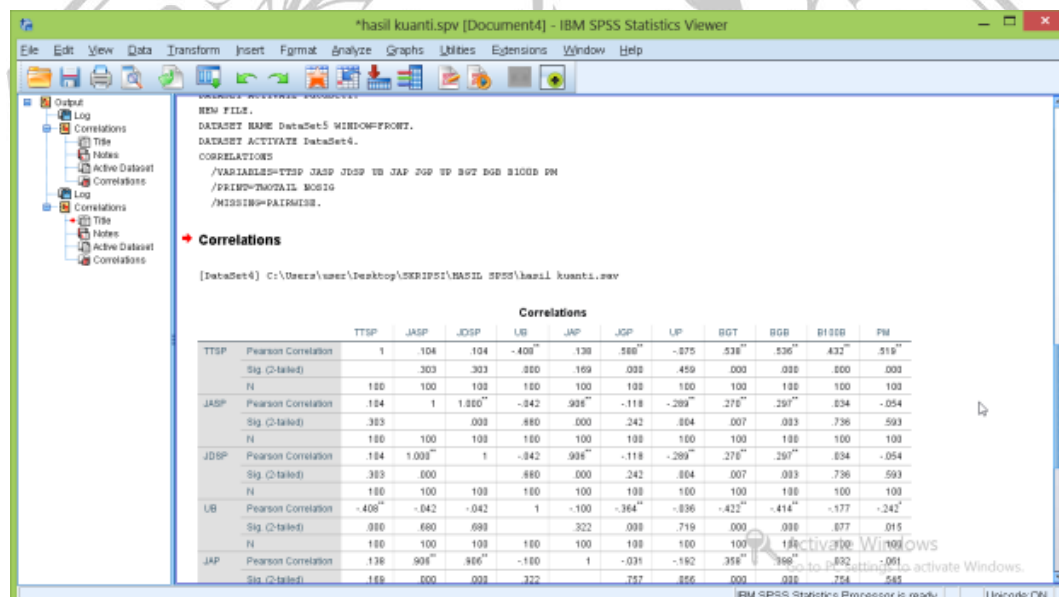


4. Untuk menganalisis data blok semua parameter dan tekan tanda panah di samping kotak parameter lalu klik **OK**.





5. Tabel korelasi seperti gambar di bawah ini.



## RIWAYAT HIDUP



Penulis memiliki nama lengkap Annisa Yani Ramadhan dan dilahirkan di Kota Mojokerto pada 04 Januari 1998. Penulis merupakan anak ke-2 dari 2 bersaudara dari pasangan Bapak Budi Iskandar dan Ibu Mulyani. Penulis menyelesaikan jenjang pendidikan dari TK Dharma Wanita (2002-2005), SDN Pungging II (2005-2011), SMPN 1 Ngoro (2011-2013), dan SMAN 1 Bangsal (2013-2016) di Mojokerto, kemudian melanjutkan pendidikan di jurusan Agroteknologi Fakultas Pertanian-Peternakan Universitas Muhammadiyah Malang hingga lulus tahun 2020.

Selama masa pendidikan sekolah penulis aktif dalam beberapa organisasi, antara lain Organisasi PASKIBRAKA SMABA (2013-2015). Selama masa perkuliahan penulis aktif di kegiatan kemahasiswaan antara lain Organisasi Hipotesa (2017) dan menjadi Partime di kantor Pusat Pengembangan Bioteknologi (2019).

